

BAB V

SIMPULAN DAN SARAN

5.1 Simpulan

Dari penelitian yang dilakukan, menggunakan EfficientNetV2B3 pada dataset C-NMC 2019 dengan augmentasi dan ukuran gambar 300x300 piksel, menghasilkan recall validasi paling tinggi yaitu 97.5% dengan akurasi dan precision rata-rata dalam pengujian yaitu 97.95%. F1-score yang dicapai juga cukup tinggi yaitu sekitar 97.95% juga. Hasil ini memang sedikit lebih buruk dari penelitian yang menggunakan EfficientNetB3 sebagai modelnya. Walaupun begitu hasil yang didapat masih cukup tinggi untuk dibilang cukup akurat, dan hasil precision yang penulis dapat lebih tinggi dari penelitian tersebut. Perbedaan akurasi training dan validasi juga sangat kecil, berkisar antara 1%, yang artinya model ini tidak mengalami overfitting. Tidak hanya itu, dataset yang dipakai pada penelitian ini berjumlah lebih banyak yaitu 20000 gambar dan diuji dengan jumlah gambar yang lebih banyak yaitu 2000 gambar secara total.

Sementara itu, untuk hasil dari penggunaan modul LIME, dapat dilihat dari hasil penjelasan bahwa sudah cukup jelas untuk bagian-bagian yang diambil dalam proses klasifikasi. Sebagian bagian yang diambil tersebut juga sesuai dengan karakteristik dari masing-masing sel. Walaupun dalam kasus kelas HEM atau sel *lymphocyte* masih diperlukan pengembangan lagi, dikarenakan daerah-daerah yang diambil adalah *background* dari gambar tersebut dan berada diluar daerah dari permukaan *nucleus*. Tidak hanya itu, hasil penjelasan dan bagian-bagian yang diambil oleh model memiliki perbedaan kecil untuk setiap iterasi, walaupun menggunakan gambar yang sama yang disebabkan oleh cara kerja dari LIME itu sendiri yang mencoba untuk membuat model baru yang lebih simple dan lebih mudah diartikan hasilnya, yang meniru sifat dari model asli. Akan tetapi dengan menggunakan LIME yang memperlihatkan bagian-bagian yang diambil oleh model sebagai perhitungan dalam prediksi sel *lymphocyte* tersebut, diharapkan dapat mendorong para ahli onkologi untuk mulai mempercayai dan

menggunakan *deep learning* untuk membantu dalam proses diagnosis kanker leukemia berjenis ALL.

Berdasarkan hasil penelitian yang sudah penulis lakukan, maka penulis bisa merekomendasikan penggunaan LIME sebagai Explainable AI untuk menjelaskan hasil prediksi dari model yang digunakan. Terutama didalam bidang medis yang membutuhkan transparansi dari hasil klasifikasi yang dilakukan oleh model. Dengan LIME yang memiliki sifat *model-agnostic*, maka bisa dipastikan bahwa LIME bisa bekerja dengan semua model yang dipakai.

5.2 Saran

Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan oleh penulis, terdapat beberapa saran yang penulis ingin sampaikan untuk penelitian selanjutnya, yaitu:

1. Melakukan segmentasi sendiri dari dataset yang memiliki gambar lengkap pada saat proses *blood smear* atau proses pengambilan gambar mikroskopik dari darah pasien. Dengan begitu pengaturan segmentasi dan seberapa besar daerah yang diambil dari setiap sel dapat diatur sehingga bagian sitoplasma juga terambil.
2. Mencoba dengan XAI model lain seperti SHAP ataupun varian lain dari LIME yaitu S-LIME dan DLIME yang diklaim memiliki performa yang lebih bagus jika dataset yang dipakai memiliki noise yang *random*.
3. Melakukan validasi hasil XAI dengan ahli onkologi untuk memastikan bahwa daerah-daerah yang diambil adalah daerah yang bisa membedakan antara sel *lymphocyte* dengan *lymphoblast*.

U N I V E R S I T A S
M U L T I M E D I A
N U S A N T A R A